

ST 060433

Note brève

Mise en évidence d'une variété de *Gossypium hirsutum* L. résistante aux souches de *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye virulentes sur les associations de gènes majeurs (B₂-B₃ ou B_{9L}-B_{10L})

B. Girardot (1), E. Hequet (2), M. T. Yehouessi (3), P. Guibordeau (4)

(1) Phytopathologiste, I.R.C.T.-C.I.R.A.D., B.P. 5035, 34032 Montpellier Cedex, France.

(2) Génétiste I.R.C.T., Bebedjia (Tchad).

(3) Phytopathologiste I.R.C.T. Bebedjia (Tchad).

(4) Génétiste I.R.C.T., Bebedjia (Tchad).

MOTS CLES : cotonnier, bacteriose, résistance aux nouvelles races.

En 1981, à l'aide de la gamme d'hôtes différentiels mise au point par HUNTER et complétée par BIRD, FOLLIN (1) a mis en évidence une nouvelle souche de *X. campestris* pv. *malvacearum* virulente sur les associations de gènes majeurs (B₂-B₃ ou B_{9L}-B_{10L}). Cette nouvelle souche était originaire du Burkina Fasso (Haute-Volta).

Simultanément, en réalisant des infections artificielles au champ, GUIBORDEAU et YEHOUËSSI (2) découvraient à la station de Bebedjia (I.R.C.T.-Tchad) l'existence d'une souche de même type.

La présence de cette souche au Tchad a conduit les sélectionneurs de la station de Bebedjia (GUIBORDEAU et HEQUET) à l'utiliser pour leurs infections artificielles (technique de LAGIERE).

Durant la campagne 1984, il a été remarqué qu'une lignée sélectionnée sur la station semblait être résistante à la nouvelle souche de *Xanthomonas*. L'étude de cette nouvelle variété (S 295) au laboratoire de phytopathologie de Montpellier a montré qu'elle était incomparable avec les souches suivantes (réaction hypersensible) :

- souches d'origine américaine (Dr L.S. BIRD)
Race 1, Race 3, Race 7 et Race 18.
- souches d'origine africaine (virulente sur les associations de gènes majeurs)
HV1, HVS, HV7 (originaires du Burkina Fasso)
T2 (originaire du Tchad).

Ces résultats confirment les observations au champ : la variété S 295 est résistante aux nouvelles souches.

Cette variété est issue du croisement suivant :

Pan 575 × (J 193 × SR1 F4).

Ces trois variétés possèdent la résistance foliaire totale aux races 1 à 18 mais sont sensibles aux nouvelles races.

La généalogie de ces variétés est la suivante :

PAN 575 : 34 parents avec hybridations en tous sens (panmixie)

- P-14-T128
- R208-V52
- R208-V66
- F305-J129

- COKER 4 L × (TKI)2-416
- N648-1465 × DPMA
- G147 × G115
- Bulk F2 Tikem
- S258 × S244
- P14-T129 × M6-T124
- P14-T131 × N583-S9
- 333 FOSTER × P14-T131
- N589-T114 × P14-T131
- N636-S165 × P14-T129
- N570-T144 × P14-T129
- N589-T111 × R209-T28
- M26-1490 × R209-T28
- P-14-T129
- R208-T28
- P120-Bulk
- ARH-1859
- R209-T28 × S144
- P120-S102 × P14-T131
- TKI × E43
- S152 × S258
- S152 × S301
- P14-T131 × M6-S301
- M6-S194 × P56-T134
- R209-T27 × P14-T131
- N634-S279 × P14-T129
- N636-S165 × P14-T131
- N583-S9 × B185-H71
- N589-T111 × P56-T134
- B185-H71 × P120-S102

J193 :

SR1 F4 × H69-6407-478-H77-610-J193

SR1 F4 : Issue d'une sélection récurrente à partir des variétés suivantes :

- M6-S193
- R208-V52
- F305-J129
- W205 (TKI × 147)
- P14-T128
- R209-T28
- W173 (G147 × G115)

La diversité des parents de S295 ne permet pas de préciser l'origine de sa résistance à la bactériose.

Afin d'étudier la nature et la transmissibilité de cette résistance, des croisements faisant intervenir des variétés possédant divers gènes de résistance à la bactériose sont en cours de réalisation.

L'analyse montre que la variété S295 possède de bonnes caractéristiques technologiques (supérieures ou équivalentes à celles du témoin SR1 F4), cependant son rendement à l'égrenage (39,3 %) est trop faible pour pouvoir envisager sa vulgarisation.

La variété S295 sera utilisée comme géniteur.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. FOLLIN J.-C., 1981. — Mise en évidence d'une race de *Xanthomonas malvacearum* (E.F. Smith) Dow. virulente sur l'association de gènes B₂B₃ chez *Gossypium hirsutum* L. *Cot. Fib. trop.*, 36, 353.
2. GUIBORDEAU, P.; YEHOUESSI M.T., 1982. —

Réaction différentielle de la variété J193 (*Gossypium hirsutum* L.) après infection artificielle au champ réalisée à partir de deux inoculums d'origine différente de *Xanthomonas malvacearum* (E.F. Smith) Dowson. *Cot. Fib. trop.*, 37, 225.

Short note

Finding a variety of *Gossypium hirsutum* L. resistant to strains of *Xanthomonas campestris* pv. *malvacearum* (Smith) Dye virulent on associations of major genes (B₂-B₃ or B_{9L}-B_{10L})

B. Girardot (1), E. Hequet (2), M. T. Yehouessi (3), P. Guibordeau (4)

KEY WORDS : cotton, bacterial blight, resistance to new races

In 1981, with the help of the set of differential hosts developed by HUNTER and completed by BIRD, FOLLIN (1) discovered a new strain of *X. campestris* pv. *malvacearum* virulent on associations of major genes (B₂B₃ or B_{9L}-B_{10L}). This new strain originated from Burkina Faso (Upper Volta). At the same time, when performing artificial infections in the field, GUIBORDEAU and YEHOUESSI (2) showed in the Bebedjia station (I.R.C.T./Chad) the existence of a strain of the same type. The presence of this strain in Chad led the breeders of the Bebedjia station (GUIBORDEAU and HEQUET) to use it for their artificial infections (LAGIERE'S technique. During the 1984 season, it was noted that a line bred in the station seemed resistant to the new *Xanthomonas* strain. Studying this new variety (S295) in the Plant Pathology Laboratory in Montpellier showed that it was incompatible with the following strains (hypersensitive reaction) :

- strains of American origin (Dr L.S. BIRD) race 1, race 3, race 7 and race 18 ;
- strains of African origin (virulent on associations of major genes) HV1, HV5, HV7 (from Burkina Faso), T2 (from Chad).

These results confirm the observations made in the field : S295 is resistant to the new strains.

This variety is derived from the following cross :

Pan 575 × (J193 × SR1 F4).

These three varieties exhibit total leaf resistance to races 1 through 8 but are susceptible to the new races.

The genealogy of these varieties is the following :

Pan 575 : 34 parents with hybridizations in all directions (panmixy)

- P-14-T128
- R208-V52

- R208-V66
- F305-J129
- COKER 4/L × (TKI)2-416
- N648-1465 × DPMA
- G147 × G115
- Bulk F2 Tikem
- S258 × S244
- P14-T129 × M6-T124
- P14-T131 × N583-S9
- 333 FOSTER × P14-T131
- N589-T114 × P14-T131
- N636-S165 × P14-T129
- N570-T144 × P14-T129
- N589-T111 × R209-T28
- M26-1490 × R209-T28
- P-14-T129
- R208-T28
- P120-Bulk
- ARH-1859
- R209-T28 × S144
- P120-S102 × P14-T131
- TKI × E43
- S152 × S258
- S152 × S301
- P14-T131 × M6-S301
- M6-S194 × P56-T134
- R209-T27 × P14-T131
- N634-S279 × P14-T129
- N636-S165 × P14-T131
- N583-S9 × B185-H71
- N589-T111 × P56-T134
- B185-H71 × P120-S102

J193 :

SR1 F4 × H69-6407-478-H77-610-J193

SR1 F4 : Derived from a recurrent selection with the following varieties :

- M6-S193
- R208-V52
- F305-J129
- W205 (TKI \times 147)
- P14-T128
- R209-T28
- W173 (G147 \times G115)

The diversity of the parents of S295 does not allow the origin of its resistance to bacterial blight to be pinpointed.

As to study the nature and transmissibility of this resistance, crosses involving varieties possessing various genes of resistance to bacterial blight are being carried out.

The analysis shows that S295 possesses satisfactory technological properties (higher or equivalent to the check variety SR1 F4). However, because of its low ginning percentage (39.3 %), it cannot be put into common use.

The variety S295 will be used as parent.